1 14:43:59 2000

Mon May

```
SEQUENCE FROM N.A.
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   310
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      364
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 258
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             405
    셤
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 à
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  ö
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      à
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              ద
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         à
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                셤
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         ò
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  g
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             ö
                                    This SWISS-PROT entry is copyright. It is produced through a collaboration between the Swiss Institute of Bioinformatics and the EMED cutstation the European Bioinformatics institute. There are no restrictions on its use by non-profit institutions as long as its content is in no way modified and this statement is not removed. Usage by and for commercial entities requires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch/announce/or send an email to license@i8b-sib.ch).
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     11;
                                                                                                                                                                                                                      Anti-oncogene; DNA-binding; Transcription regulation; Activator;
Nuclear protein; Phosphorylation; Apoptosis.

1 59 ASP/GIU-RICH (ACIDIC).
DOMAIN 304 316 NUCLEAR LOCALIZATION SIGNAL (POTENTIAL).
MOD_RES 385 385 PHOSPHORYLATION (BY SIMILARITY).
CONFLICT 380 380 R -> T (IN REF. 2).
SEQUENCE 386 AA; 43255 MW; 0322BF3D CRC32;
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         SVMAQFNLLSSTMDQMSSRAASASPYT-----PEHAASVPTHS-PYAQPSSTFDTM 109
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         110 SPAPV-----IPSNIDYPGPHHFEVTFQQSSTAKSATWIYSPLLKKLYCQIAKICPI 161
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   77 -PAPATSWPLSSFVPSQKTYPGNYGFRLGFLQSGTAKSVTCTYSPSLNKLFCQLAKTCPV 135
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             QIKVSTPPPPGTAIRAMPVYKKAEHVTDVVKRCPNHELGRDFNEGQSAPASHLIRVEGNN 221
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                           Gaps
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    281
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             400
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                            24 NLLPENNLLSS---ELSAPVDDLLPYTDVATWLDECPNEAPQMPEPSAPAAPPPAT---- 77
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              222 LSQYVDDPVTGRQSVVVPYEPPQVGTEFTTILYNFMCNSSCVGGMNRRPILIIITLEMRD
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  282 GQVLGRRSFEGRICACPGRDRKADEDHYREQ-QALNESSAKNGAASKRAFKQSPPAVPAL
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      GNLLGRNSFEVRVCACPGRDRRIEEENLRKKGQSCPEPPPR---STKRALPINTSSSPQ-
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    341 GAGVKKRRHGDEDTYYLQVRGRENFEILMKLKESLELMELVPQPLVDSYRQQQLLLQRPS
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         Ovis aries (Sheep).
Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Mammalia;
Eutheria; Cetartiodactyla; Ruminantia; Pecora; Bovoidea; Bovidae;
Caprinae; Ovis:
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   45;
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          DB 1; Length 386;
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  Indels
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   .4e-43;
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      01-0CT-1996 (Rel. 34, Created)
01-0CT-1996 (Rel. 34, Last sequence update)
01-NOV-1997 (Rel. 35, Last annotation update)
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       22.5%; Score 760.5;
44.2%; Pred. No. 1.4e
:ive 63; Mismatches
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  382 AA
IN MANY TYPES OF CANCER.
SIMILARITY: BELONGS TO THE P53 FAMILY.
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 PRT;
                                                                                                                                        EMBL; X81704; CAA57348.1; -.
EMBL; D49825; BAA08629.1; -.
EMBL; U74466; AAB51214.1; -.
HSSP; P04637; IYCR.
PROSITE; PS600348; P53; 1.
PFAM; PF00870; P53; 1.
Anti-oncogene; DNA-binding; Tzv
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        401 HLQP---PSYGPVLSPMNKVHG 419
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                HLKSKKRPSPSCHKKPMLKREG 382
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                CELLULAR TUMOR ANTIGEN P53
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 Conservative
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 STANDARD;
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      Query Match
Best Local Similarity
Matches 169; Conserv
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                 P53_SHEEP
P51664;
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                361
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      RESULT 7
P53_SHEEP
 SOUND THE TELEFORM
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                셤
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                         ò
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                   셤
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                             ö
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  윱
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                              ö
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        8
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                               ò
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        g
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                     ò
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          g
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                       ö
```

```
PEQUIEDTE: KETTWANN R., BUR. A., WILLEMS L.;

"Nuclectide sequence of the ovine P53 tumor-suppressor cDNA and its
"Nuclectide sequence of the ovine P53 tumor-suppressor cDNA and its
genomic organization.";

"Nuclectide sequence of the ovine P53 tumor-suppressor cDNA and its
genomic organization."

"In Seq. 5:255-229(1995).

"In Seq. 5:255-229(1995).

"In Second Action of The PHYSIOLOGICAL
CIRCUMSTANCES OR CELL TYPE; BUT BOTH ACTIVITIES ARE INVOLVED IN
"IN ACTIVITIES ARE INVOLVED IN
"IN ACTIVITIES ARE INVOLVED IN
"IN ACTIVITIES ARE INVOLVED IN
"IT ACTS IN CELL CYCLE REGULATION, IT IS A
"TRANS-ACTIVATOR THAT ACTS TO NEGATIVELY REGULATE CELLIGAR DIVISION
"IT GENES ACTIVATED IS AN INHIBITION OF CYCLIN-DEPENDENT KINASES.
"THE GENES ACTIVATED IS AN INHIBITION OF CYCLIN-DEPENDENT KINASES.
"THE GENES AUTIGEN EXPRESSION, OR BY REPRESSION OF BCL-2
EXPRESSION.
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        This SWISS-PROT entry is copyright. It is produced through a collaboration between the Swiss Institute of Bioinformatics and the EMBL outstation-the European Bloinformatics Institute. There are no restrictions on its use by non-profit institutions as long as its content is in no way modified and this statement is not removed. Usage by and for commercial entities requires a license agreement (See http://www.isb-sib.ch/announce/or send an email to license@isb-sib.ch).
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                    Nuclear protein: Phosphorylation; Apoptosis.

DOMAIN 1 66 ASP/GLU-RICH (ACIDIC).

DOMAIN 300 312 NUCLEAR LOCALIZATION SIGNAL (POTENTIAL).

MOD_RES 381 381 PHOSPHORYLATION (BY SIMILARITY).

SEQUENCE 382 AA; 42809 MW; 0CB99A00 CRC32;
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      Transcription regulation; Activator;
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                      SUBCELLULAR LOCATION: NUCLEAR. SIMILARITY: BELONGS TO THE P53 FAMILY.
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                        EMBL; X81705; CAA57349.1; -.
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          PFAM; PF00870; P53; 1.
Anti-oncogene; DNA-binding;
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                  PROSITE; PS00348; P53; 1.
MEDLINE; 95352828
                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                                          P04637
```

60 SVMAQFNLLSSTMDQMSSRAASASPYT-----PEHAASVPTHSPYAQPSSTFDTM 109 Gaps Indels 35; Length 382; 22.3%; Score 755.5; DB 1; 44.8%; Pred. No. 2.9e-43; live 62; Mismatches 110; llarity 44.8%; Conservative 6 Best Local Similarity Matches 168; Conserv Query Match

10;

228 110 SP-APVIPSNTDYPGPHHFEVTFQQSSTAKSATWTYSPLLKKLYCQIAKTCPIQIKVSTP 169 PPPGTAIRAMPVYKKAEHVTDVVKRCPNHELGRDFNEGQSAPASHLIRVEGNNLSQYVDD

347 RHGDEDTYYLQVRGRENFEILMKLKESLELMELVPQPLVDSYRQQQQLLQRPSHLQP--- 405 : | : : | | : | | : | | : | | : | | | : | | | : | | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : | : FEGRICACPGRDRKADEDHYREQ-QALNESSAKNGAASKRAFKQSPPAVPALGAGVKKR 289 348

PSYGPVLSPMNKVHG 419 PSPSCHKKPMLKREG 378